



## 棕背鼯和大林姬鼠的资源开发与利用\*

王清英<sup>1</sup> 周佳正<sup>1</sup> 周星璇<sup>1</sup> 李沁丹<sup>1</sup> 罗三品<sup>1</sup> 赵雅楠<sup>1</sup> 王梓安<sup>2</sup> 王亮<sup>1</sup> 王靖宇<sup>1</sup>

(1. 大连医科大学实验动物中心, 大连 116044) (2. 大连医科大学附属第二医院, 大连 116044)

**摘要:**随着生物技术和生物医药领域的发展,人们对实验动物的使用需求明显增加,迫切需要开发更具潜力的新型实验动物资源。棕背鼯和大林姬鼠为野生啮齿动物,二者均为林区害鼠,分布较为广泛。基于目前研究,已大致了解了棕背鼯和大林姬鼠的生物学特性,推进了棕背鼯和大林姬鼠的实验动物化进程。本文将从遗传学、微生物学、寄生虫学、行为学和实验动物化 5 个角度对棕背鼯和大林姬鼠的现有研究内容进行相应概述,为今后实验动物资源的扩展和人类疾病动物模型的构建提供相应理论参考。

**关键词:**棕背鼯;大林姬鼠;实验动物资源

中图分类号: Q95-3 文献标志码: A 文章编号: 1006-6179(2026)02-0018-06

DOI: 10.3969/j.issn.1006-6179.2026.02.004

## Resource Development and Utilization of *Myodes Rufocanus* and *Apodemus Peninsulæ*

Wang Qingying<sup>1</sup>, Zhou Jiazheng<sup>1</sup>, Zhou Xingxuan<sup>1</sup>, Li Qindan<sup>1</sup>, Luo Sanpin<sup>1</sup>,  
Zhao Yanan<sup>1</sup>, Wang Zi' An<sup>2</sup>, Wang Liang<sup>1</sup>, Wang Jingyu<sup>1</sup>

(1. Laboratory Animal Center, Dalian Medical University, Dalian 116044, China)

(2. the Second Affiliated Hospital of Dalian Medical University, Dalian 116044, China)

**Abstract:** With the development of biotechnology and biomedicine, the demand for the use of laboratory animals has increased, creating an urgent need to develop new experimental animal resources with greater potential. *Myodes rufocanus* and *Apodemus peninsulæ* are wild rodent species, both recognized as forest noxious animal with a broad distribution. Based on current research, we have already obtained a general understanding of the biological characteristics of *Myodes rufocanus* and *Apodemus peninsulæ*, advancing their development as experimental animals. This paper systematically summarizes existing research progress on these two species from five disciplinary perspectives: genetics, microbiology, parasitology, ethology and laboratory animal domestication. This synthesis aims to provide a theoretical foundation for the future expansion of experimental animal resources and for the development of animal models of human diseases.

**Key words:** *Myodes rufocanus*; *Apodemus peninsulæ*; experimental animal resources

棕背鼯(*Myodes rufocanus*)为啮齿目仓鼠科鼯属,背毛为红棕色,腹毛为灰白色;以凤毛菊、北悬钩

子等植物为食,常栖息于灌丛、针叶林和针阔混交林等地,繁殖周期为每年的3月至10月,在中国、日

收稿日期: 2025-03-31

\* 基金项目: 国家重点研发计划(2022YFF0710503)。

作者简介: 王清英(2002—),女,在读硕士研究生,研究方向为动物学。E-mail: wangqingyings@163.com。

通信作者: 王靖宇(1964—),男,博士,教授,研究方向为动物行为学。E-mail: wangjingyus@163.com。

王亮(1980—),男,博士,副教授,研究方向为实验动物学。E-mail: wangliang-dy@dmu.edu.cn。

本、俄罗斯等地区均有分布<sup>[1-2]</sup>。大林姬鼠 (*Apodemus peninsulae*) 为啮齿目鼠科姬鼠属,背毛呈黄棕色,腹毛为浅白色;以红松、蒙古栎等植物种子为食,常栖息于阔叶林或农田中,繁殖周期为每年的 4 月至 10 月,具分散贮食行为<sup>[3-4]</sup>。随着生物技术和生物医药领域的发展,加剧了人们对实验动物的使用需求,迫切需要开发更具有潜力的新型实验动物资源<sup>[5]</sup>。棕背鼯和大林姬鼠作为野生啮齿动物,数量较为丰富,具有潜在的利用价值。孙福华等<sup>[6]</sup>和杨春文等<sup>[7]</sup>将棕背鼯与红背鼯和黑线姬鼠的血液生理生化指标进行了比较。辛笛等<sup>[8]</sup>利用恒温培养箱对温度与大林姬鼠的呼吸频率关系进行了探究。苏航等<sup>[9]</sup>通过解剖对比了棕背鼯和大林姬鼠的外部形态与内脏差异。张隽晟等<sup>[10]</sup>分析比较了两种鼠的消化系统各部位长度。Kusumoto<sup>[11]</sup>在实验室模拟了冬季生活环境,通过设置 3 个实验组探究了食物供给是否会对低温环境下棕背鼯的免疫功能产生影响。除以上生物学特征外,在其他领域二者也有相关研究成果。本文将从以下 5 个角度对棕背鼯和大林姬鼠的现有研究进行相应阐述,为野生啮齿动物的实验动物化工作提供相应理论参考。

## 1 遗传学研究

棕背鼯和大林姬鼠的染色体类型均为中央着丝粒染色体和近端着丝粒染色体<sup>[12-13]</sup>。棕背鼯的线粒体基因组长度约为 16 487 bp,而大林姬鼠线粒体基因组的长度则受地域的影响,如生活在中国的大林姬鼠线粒体基因组的总长度为 16 457 bp,而生活在韩国的大林姬鼠线粒体基因组的总长度约为 16 268 bp<sup>[14-16]</sup>。棕背鼯种群和大林姬鼠种群均具有遗传多样性,种群内遗传多样性的维持与个体扩散行为密切相关,如 Ishibashi 等<sup>[17]</sup>使用两个固定的诱捕网格以每年 3 次的频率捕捉棕背鼯个体,探究了 5 年内棕背鼯个体中 8 个微卫星位点是否随着种群密度的波动导致遗传多样性的改变。除此之外, Eo 等<sup>[18]</sup>和 Wu 等<sup>[19]</sup>通过构建微卫星富集文库开发了大林姬鼠的微卫星标记,利用这些微卫星标记也对韩国地区内的大林姬鼠的遗传多样性进行了相应分析。在此基础上,张晴等<sup>[20]</sup>根据大林姬鼠的基因组序列设计出 30 个微卫星分子标记,利用这些分子标记也揭示了大林姬鼠种群具有丰富的遗传多样性和

中等程度的遗传分化。目前,我们也可利用多种技术对棕背鼯和大林姬鼠的遗传背景进行分析。2009 年,金建丽等<sup>[21]</sup>利用 mtDNA 控制区构建的系统发生树区分了棕背鼯和红背鼯两大野生鼠。2017 年, Lu 等<sup>[16]</sup>使用 MEGA 方法构建的系统发育树分析了棕背鼯所在仓鼠科的进化状态,发现棕背鼯与绒鼠属内的物种较为接近。2022 年, Murakami 等<sup>[22]</sup>对野生白化雌性棕背鼯及近亲繁殖的 F1 和 F2 代进行了连锁分析,发现毛色的白化表型与 *Kit* 基因第 12 外显子的非同义突变相关。2024 年,毛乐言<sup>[23]</sup>使用 HiFi 长读长测序数据组装了首个棕背鼯染色体水平基因组,并在该基因组中鉴定出多个与生物体活动相关的正选择基因,揭示了棕背鼯适应低温环境和病毒免疫的遗传基础。

## 2 微生物学研究

在微生物学领域,棕背鼯和大林姬鼠的肠道菌群研究较为丰富,二者的优势菌门为厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和变形菌门 (Proteobacteria), 优势菌属为乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、螺杆菌属 (*Helicobacter*)、unidentified-Lachnospiraceae、脱硫弧菌属 (*Desulfovibrio*) 和毛螺菌科 NK4A136 组 (*Lachnospiraceae* \_ NK4A136 \_ group)<sup>[24]</sup>; 使用 16S rDNA 技术从大林姬鼠的粪便中检测到了厚壁菌门中的解淀粉芽孢杆菌 (*Bacillus amyloliquefaciens*)<sup>[25]</sup>。肠道菌群的多样性受多个因素的影响,在周宝丽等<sup>[26]</sup>的研究中我们发现大林姬鼠的肠道菌群多样性在雌雄个体以及不同生境中均无显著差异,这一结果表明性别和生境不是影响肠道菌群多样性的主要因素。因此我们推测食性可能在影响肠道菌群多样性的过程中发挥着重要作用,蒙古栎的种子中含有丰富的单宁成分,该成分会抑制动物对食物中蛋白质的消化吸收,由于啮齿动物体内存在单宁结合唾液蛋白或单宁分解菌,进而使大林姬鼠取食单宁食物时对自身的影响较小<sup>[27]</sup>;在 Anders 等<sup>[28]</sup>的研究中栖息于城市地区的棕背鼯更倾向于取食 C3 植物,由动物蛋白向 C3 植物饮食习惯的改变增加了棕背鼯结肠内致病性螺杆菌属 (*Helicobacter*) 细菌的丰度。随着抗生素的大量滥用,大多数动物体内都存在相应的抗生素抗性基因,大林姬鼠和棕背鼯自然也不例外,在初鹏飞等<sup>[29]</sup>的

研究中,发现二者体内已存在大环内酯类、林可酰胺类、四环素类和  $\beta$  内酰胺类的抗生素抗性基因。

除了肠道菌群研究外,在真菌方面二者也有相关研究。2025年,赵芮雪等<sup>[30]</sup>通过高通量 PCR 测序技术对牡丹江两个地区内捕捉到的野生大林姬鼠、棕背鼯和黑线姬鼠的结肠内容物进行了 DNA 提取,并通过建库测序、数据质控、物种与功能注释等实验进行分析,在大林姬鼠和棕背鼯的样本中发现相对丰度较高的菌门均包括壶菌门 (Chytridiomycota)、子囊菌门 (Ascomycota)、毛霉门 (Mucoromycota) 和担子菌门 (Basidiomycota)。

更重要的是,棕背鼯和大林姬鼠也是病毒的潜在宿主,如大林姬鼠携带 Soochong 型汉坦病毒 (Soochong virus) 和阿穆尔型汉坦病毒 (Amur virus),棕背鼯携带北海道型汉坦病毒 (Hokkaido virus) 和普马拉型汉坦病毒 (Puumala virus)<sup>[31-34]</sup>。人类与携带汉坦病毒的啮齿动物接触会增加肾综合征出血热和汉坦病毒心肺综合征的感染率<sup>[35]</sup>。2007年,Zhang 等<sup>[36]</sup>利用免疫荧光法对吉林省范围内大林姬鼠的肺部样本进行病原体的分离鉴定,在大林姬鼠中检测到了汉坦病毒抗原。2008年,Plyusnina 等<sup>[32]</sup>对俄罗斯布里亚特地区捕捉到的棕背鼯进行汉坦病毒片段序列的遗传分析,发现该地区棕背鼯携带北海道型汉坦病毒。2012年,Sanada 等<sup>[37]</sup>利用棕背鼯北海道亚种肾中分离出的 MRK101 细胞系成功分离并繁殖了北海道型汉坦病毒,突破了体外汉坦病毒感染研究的瓶颈。2025年,Liu 等<sup>[38]</sup>对黑龙江省牡丹江地区内捕捉到的大林姬鼠和棕背鼯这两种啮齿动物进行宏基因组分析,在大林姬鼠中检测到阿穆尔型汉坦病毒和拉沙病毒 (Lassa virus) 片段,在棕背鼯中检测到阿穆尔型汉坦病毒和大量的大鼠动脉炎病毒 (rat arterivirus) 片段。

### 3 寄生虫学研究

在寄生虫学领域,棕背鼯和大林姬鼠体内或体表存在寄生虫。2005年,刘国平等<sup>[39]</sup>对日朝俄边境地区捕获到的 10 种鼠类进行体外寄生虫的研究,在大林姬鼠和棕背鼯中发现了蚤、革螨和恙螨。2011年,刘珈含等<sup>[40]</sup>对东北 4 个地区的棕背鼯肠道寄生虫进行探究,检测出 7 个属种寄生虫,其中缠体属线虫、副裸头属线虫和管状属线虫是常见类群。

2016年,Meng 等<sup>[41]</sup>在中国内蒙古北部的大林姬鼠中发现了嗜群血蜱。2017年,Moustafa 等<sup>[42]</sup>利用分子鉴定方法从棕背鼯的血液样品中检测到了肉孢子虫属的 DNA 序列。2019年,Bugmyrin 等<sup>[43]</sup>首次在棕背鼯和根田鼠这两种野生啮齿动物的肠壁和肠系膜中检测到了贝蛔属寄生虫。2022年,万祥旭等<sup>[44]</sup>对三道关国家公园附近捕捉到的 1 只患病的野生大林姬鼠进行解剖,在小肠内分离出了小型缩小膜壳绦虫。2024年,汪东伟等<sup>[45]</sup>对黑龙江省 11 个边境口岸内的小型兽类进行寄生蚤的监测,在棕背鼯中检测到中华巨槽蚤、西伯双蚤指名亚种等 19 种蚤类。

### 4 行为学研究

在行为学领域,棕背鼯和大林姬鼠的研究相对较少,主要探究二者的昼夜活动节律。2003年,金建丽等<sup>[46]</sup>对林区捕捉到的棕背鼯给予 3 种不同的食物探究了不同的食物条件是否会对棕背鼯的昼夜节律产生影响,结果表明棕背鼯的取食和饮水活动会随食物而发生一定改变。2017年,张隽晟等<sup>[47]</sup>对三道林场捕捉到的大林姬鼠进行了光照时长对动物活动节律的影响探究,结果显示持续光照会减少小鼠的总活动时间。同年,辛笛<sup>[48]</sup>通过设置多个氧气浓度梯度,探究了低氧环境对大林姬鼠生活节律及血液生理生化指标的影响。2019年,于成文等<sup>[49]</sup>控制有无水和粮食探究了大林姬鼠体质量与耐饥性之间的关系。2020年,Li 等<sup>[50]</sup>利用红外相机对中国长白山地区 8 月至 10 月内的野生大林姬鼠进行觅食行为的记录观察,发现在温度和光照强度逐月下降的情况下,大林姬鼠的摄食行为与其成正相关。

### 5 实验动物化研究

在实验动物化研究方面,研究人员对大林姬鼠和棕背鼯的实验室培育和技术等方面进行了相应探究。1993年,松崎哲也<sup>[51]</sup>对北海道捕获的 10 对野生棕背鼯进行实验室饲养,通过观察它们的妊娠率、出生率等繁殖特征,揭示了棕背鼯可成为实验动物。2017年,王元智等<sup>[1]</sup>于牡丹峰林地捕捉了野生棕背鼯,对其进行药浴驱除体表寄生虫后将其置于饲养室分别进行亲代和离乳子代的饲养,发现实验室条

件下饲养的棕背鼯的产仔数和繁殖周期与野外条件下基本一致。2018 年,马芹等<sup>[52]</sup>利用 *ZFY/ZFX* 基因和 *SRY* 基因双重 PCR 扩增体系对多只棕背鼯小鼠具有毛囊的被毛进行 DNA 的提取与扩增,发现雄性个体可同时扩增出 *ZFY/ZFX* 基因片段和 *SRY* 基因片段,而雌性个体只能扩增出 *ZFY/ZFX* 基因片段。2024 年,张晴等<sup>[20]</sup>开发出了多态性的微卫星分子标记,为封闭群大林姬鼠的遗传质量监测提供了新方法。同年,耿雨露<sup>[53]</sup>通过循环交配法培育了棕背鼯封闭群,之后利用剖腹净化及代乳技术对棕背鼯种群进行了生物净化,为 SPF 级棕背鼯的培育奠定了良好基础。2025 年,Zhang 等<sup>[54]</sup>基于大林姬鼠的基因组序列确定了 29 个微卫星位点,并根据这些微卫星位点对黑龙江野生种群、辽宁人工饲养种群和吉林人工饲养种群进行了遗传结构分析,结果表明 3 个种群起源于 3 个同源基因库,这为之后大林姬鼠的遗传分析提供了理论数据。

在棕背鼯和大林姬鼠生物学特性数据采集过程中,发现血液生理生化指标中 ALT、AST、TG 的数值偏高,推测二者可能有易发脂肪肝的倾向性。基于这一发现,构建了两个相关模型。张曦文等<sup>[55]</sup>采用高脂饮食诱导构建代谢相关脂肪性肝病模型的方法,分别对 8 周龄的雄性棕背鼯高脂饲喂 8 周和 16 周,对两个实验组的血清生化指标含量和肝组织病理学进行分析,发现高脂饮食会导致棕背鼯肝损伤并引起肝的炎性反应。张晴<sup>[56]</sup>利用高脂饮食诱导构建了大林姬鼠非酒精性脂肪性肝病模型,在该模型下诱导 8 周即可使大林姬鼠出现肝脂肪变性,与 C57BL/6 小鼠构建相应模型花费的时间更短;这两种动物模型的成功构建为之后人类脂肪肝疾病的研究提供更多可能。

## 6 总结与展望

棕背鼯和大林姬鼠的生理生化、解剖学和组织学等生物学特性已完成了测定,利用已有数据成功构建了棕背鼯的生物学数据库,大林姬鼠的生物学数据库正在逐步构建中。棕背鼯和大林姬鼠目前已知线粒体基因组序列,尚无完整的全基因组数据,利用已知的基因组序列设计出的微卫星标记已对部分区域内的遗传多样性进行了相应分析,为二者遗传质量标准的建立奠定了基础。通过 mtDNA 控制区和 MEGA 方法构建系统发生树,探究了棕背鼯的遗

传背景。除此之外,利用 HiFi 测序和 Hi-C 测序首次组装了棕背鼯的染色体水平基因组,为棕背鼯之后的遗传学研究提供了理论数据。野生棕背鼯和野生大林姬鼠是多种病原体的天然宿主,其携带的汉坦病毒可导致人畜共患病,利用这一特性可构建相关的人类疾病动物模型。参照已有病原体数据和 GB 14922—2022《实验动物 微生物、寄生虫学等级及监测》的相关规定,逐步制定棕背鼯和大林姬鼠的病原监测标准。由于实验室饲养条件下的棕背鼯的繁殖特征与野外大致相同,棕背鼯的生殖指数也与 ICR 小鼠较为接近,所以依据 GB 14923—2022《实验动物 遗传质量控制》的规定,并采用剖腹净化及代乳技术已先后进行了普通级及 SPF 级封闭群种群的培育。

在封闭群种群培育过程中,发现有些棕背鼯的体毛颜色与正常个体间存在差异,其腹部和背部毛色均为灰白色,这一现象表明该类棕背鼯可能已发生了遗传突变,可对该动物的遗传学方面进行相应探究。除此之外,也发现某些棕背鼯的血糖数值相对较高,可进一步诱导并构建棕背鼯自发性糖尿病模型,进而扩展糖尿病研究的动物模型资源。野生动物在实验动物化过程中还存在很多法律法规困境,缺乏运输许可、饲养许可、使用许可手续等问题,我们呼吁政府部门和实验动物管理单位共同制定相应的标准与规范,推进野生动物的实验动物化工作。

## 参 考 文 献

- [1] 王元智,马芹,陆涛峰,等.棕背鼯的实验室繁育[J].中国实验动物学报,2017,25(2):169-173.
- [2] 张春美,郝忍,杨春文,等.棕背鼯的食性和种群年龄组成研究初报[J].森林病虫害通讯,1995(1):19-20.
- [3] 李殿伟.张广才岭森林啮齿动物分散贮食行为策略研究[D].哈尔滨:东北林业大学,2019.
- [4] 马杰,李庆芬,孙儒泳,等.东灵山辽东栎林啮齿动物群落组成及优势种大林姬鼠的繁殖特征[J].动物学报,2003,49(2):262-265.
- [5] 贺学鸣.基于能力提升的我国实验动物资源发展愿景[J].实验动物与比较医学,2021,41(2):85-90.
- [6] 孙福华,金志民,朴忠万,等.黑线姬鼠和棕背(鼯)血液生理生化指标的比较[J].黑龙江畜牧兽医,2016(20):199-200.
- [7] 杨春文,刘艳爽,金建丽,等.红背(鼯)和棕背(鼯)血液生理指标比较分析[J].黑龙江畜牧兽医,2017(11):250-252.
- [8] 辛笛,杨常玉,金志民,等.温度对大林姬鼠心率及呼吸频率的影响[J].黑龙江畜牧兽医,2016,8(15):211-212.

- [ 9 ] 苏航,周思宇,杨文建,等. 大林姬鼠和棕背鼯生物学指标对比分析[J]. 湖北农业科学, 2022, 61(4): 133-135.
- [ 10 ] 张隽晟,杨常玉,辛笛,等. 棕背鼯与大林姬鼠消化系统解剖比较[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2016(7): 226-227.
- [ 11 ] KUSUMOTO K. Effect of food availability on immune function of gray red-backed voles (*Myodes rufocanus*) exposed to low temperature and short photoperiod [J]. *J Mammal*, 2009, 90(2): 416-422.
- [ 12 ] KASHIWABARA S, ONOYAMA K. Karyotypes and G-banding patterns of the red-backed voles, *Clethrionomys montanus* and *C. rufocanus bedfordiae* (Rodentia, Microtinae)[J]. *J Mammal Soc Jpn*, 1988, 13(1): 33-41.
- [ 13 ] 陈志平,刘瑞清,李崇云,等. 三种姬鼠的染色体比较研究[J]. 动物学研究, 1996, 17(3): 347-352.
- [ 14 ] KIM H R, PARK Y C. The complete mitochondrial genome of the Korean field mouse *Apodemus peninsulae* (Rodentia, Murinae) from Korea[J]. *Mitochondrial DNA*, 2011, 22(4): 97-98.
- [ 15 ] JEON M G, KIM J Y, PARK Y C. Phylogenetic analysis of the complete mitochondrial genome of the Korean field mouse *Apodemus peninsulae* (Rodentia, Murinae) from China [J]. *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal*, 2016, 27(4): 2408-2409.
- [ 16 ] LU T, ZHU M, YI C, et al. Complete mitochondrial genome of the gray red-backed vole (*Myodes rufocanus*) and a complete estimate of the phylogenetic relationships in Cricetidae [J]. *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal*, 2017, 28(1): 62-64.
- [ 17 ] ISHIBASHI Y. Preservation of genetic diversity in a highly fragmented population of the gray-sided vole *Myodes rufocanus* in an intensive farming region[J]. *Ecol Evol*, 2023, 13(9): 1-14.
- [ 18 ] EO S H, RHIM S J, LEE W S, et al. Genetic diversity and population structure of the Korean field mouse (*Apodemus peninsulae*) in South Korea: from 17 previously and newly developed microsatellite markers[J]. *Genes Genom*, 2011, 33(4): 445-449.
- [ 19 ] WU H, ZHANG S N. Microsatellite DNA markers for comparative phylogeography analysis in the Korean field mouse (*Apodemus peninsulae*) and large-eared field mouse (*Apodemus latronum*)[J]. *Conserv Genet Resour*, 2009, 1(1): 1-3.
- [ 20 ] 张晴,张曦文,何松,等. 实验用大林姬鼠种群微卫星标记开发及遗传特性分析[J]. 中国实验动物学报, 2024, 32(4): 468-476.
- [ 21 ] 金建丽,刘铸,郝爱平,等. 棕背(鼠平)和红背(鼠平)种间区分的分子方法[J]. 动物学杂志, 2009, 44(3): 127-131.
- [ 22 ] MURAKAMI S, TSUCHIYA K, NAKATA K, et al. A Kit mutation associated with black-eyed white phenotype in the grey red-backed vole, *Myodes rufocanus*[J]. *Mammal Study*, 2022, 47(4): 235-247.
- [ 23 ] 毛乐言. 棕背鼯对寒冷与病毒适应和群体分化的基因组学研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2024.
- [ 24 ] 周思宇,苏航,杨文建,等. 大林姬鼠与棕背鼯肠道菌群与功能预测的对比分析[J]. 内蒙古农业大学学报(自然科学版), 2022, 43(1): 1-4.
- [ 25 ] RAHMAN M M, YOON K B, LIM S J, et al. Molecular detection by analysis of the 16S rRNA gene of fecal coliform bacteria from the two Korean *Apodemus* species (*Apodemus agrarius* and *A. peninsulae*) [J]. *Genet Mol Res*, 2017, 16(2): 1-6.
- [ 26 ] 周宝丽,黄笑然,万祥旭,等. 性别与生境因素对大林姬鼠肠道菌群多样性的影响[J]. 贵州农业科学, 2024, 52(3): 97-103.
- [ 27 ] SHIMADA T, SAITOH T, SASAKI E, et al. Role of tannin-binding salivary proteins and tannase-producing bacteria in the acclimation of the Japanese wood mouse to acorn tannins[J]. *J Chem Ecol*, 2006, 32(6): 1165-1180.
- [ 28 ] ANDERS J L, MYCHAJLIW A M, MOUSTAFA M A M, et al. Dietary niche breadth influences the effects of urbanization on the gut microbiota of sympatric rodents [J]. *Ecol Evol*, 2022, 12(9): 1-14.
- [ 29 ] 初鹏飞,邢洁,王声泽,等. 3种啮齿动物抗生素抗性基因多样性比较[J]. 应用生态学报, 2024, 35(1): 229-236.
- [ 30 ] 赵芮雪,刘硕,王声泽,等. 中国东北地区3种啮齿动物结肠内真菌多样性的比较研究[J]. 畜牧与兽医, 2025, 57(9): 29-40.
- [ 31 ] BAEK L J, KARIWA H, LOKUGAMAGE K, et al. Soochong virus: an antigenically and genetically distinct hantavirus isolated from *Apodemus peninsulae* in Korea[J]. *J Med Virol*, 2006, 78(2): 290-297.
- [ 32 ] PLYUSNINA A, LAAKKONEN J, NIEMIMAA J, et al. Genetic analysis of hantaviruses carried by *Myodes* and *Microtus* rodents in Buryatia[J]. *Virol J*, 2008, 5(4): 1-6.
- [ 33 ] YASHINA L N, ABRAMOV S A, DUPAL T A, et al. Hokkaido genotype of Puumala virus in the grey red-backed vole (*Myodes rufocanus*) and northern red-backed vole (*Myodes rutilus*) in Siberia[J]. *Infect Genet Evol*, 2015, 33: 304-313.
- [ 34 ] 张文义,江佳富,姚昆,等. 中国大林姬鼠携带 Amur 类汉坦病毒及其分子生物学特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2007, 28(5): 482-486.
- [ 35 ] KARIWA H. Rodent associated hantaviruses and hantavirus infections[J]. *Uirusu*, 2017, 67(1): 25-32.
- [ 36 ] ZHANG Y Z, ZOU Y, YAO L S, et al. Isolation and characterization of hantavirus carried by *Apodemus peninsulae* in Jilin, China[J]. *J Gen Virol*, 2007, 88(4): 1295-1301.
- [ 37 ] SANADA T, SETO T, OZAKI Y, et al. Isolation of Hokkaido virus, genus Hantavirus, using a newly established cell line derived from the kidney of the grey red-backed vole (*Myodes rufocanus bedfordiae*) [J]. *J Gen Virol*, 2012, 93(10): 2237-2246.
- [ 38 ] LIU Q, WANG M, XIE J W, et al. Macrogenome analysis of rodents from Heilongjiang Province, China [J]. *Acta Trop*, 2025, 270: 107789.

- [39] 刘国平,任清明,王峰,等. 东北中朝俄边境地区鼠染体外寄生虫的率及指数调查[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2005, 16(2): 112-113.
- [40] 刘珈含. 东北地区棕背䟽与肠道寄生虫的寄生关系[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2011.
- [41] MENG H, XU S, YU Z, et al. Abundance and seasonal activity of *Haemaphysalis concinna* (Acari: Ixodidae) at the border between China and Russia in Northern Inner Mongolia, China [J]. *Parasit Vectors*, 2016, 9(1): 1-7.
- [42] MOUSTAFA M A M, SHIMOZURU M, MOHAMED W, et al. First molecular detection and characterization of Hepatozoon and Sarcocystis spp. in field mice and voles from Japan [J]. *Parasitol Res*, 2017, 116(8): 2321-2325.
- [43] BUGMYRIN S V, SPIRIDONOV S E. First record of natural *Baylisascaris transfuga* (Ascaridoidea, Nematoda) infection in wild rodents [J]. *Parasitology*, 2019, 146(14): 1714-1718.
- [44] 万祥旭,黄笑然,周宝丽,等. 东北野生大林姬鼠感染小型缩小膜壳绦虫病观察报道[J]. 天津农业科学, 2022, 28(9): 30-33.
- [45] 汪东伟,陈琦,梁宏,等. 黑龙江省中俄边境口岸地区小型兽类寄生蚤的物种构成及空间分布[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2024, 35(6): 704-708.
- [46] 金建丽,张春美,杨春文. 棕背䟽昼夜活动节律的研究[J]. 应用生态学报, 2003, 14(6): 1019-1022.
- [47] 张隽晟,杨常玉,刘铸,等. 持续光照对大林姬鼠活动节律的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2017(9): 256-258.
- [48] 辛笛. 低氧环境对大林姬鼠生活节律及血液生理生化指标的影响[D]. 牡丹江: 牡丹江师范学院, 2017.
- [49] 于成文,徐春雨,贾修歧,等. 大林姬鼠耐饥性研究[J]. 湖北农业科学, 2019, 58(23): 151-153.
- [50] LI D, HAO J, YAO X, et al. Observations of the foraging behavior and activity patterns of the Korean wood mouse, *Apodemus peninsulae*, in China, using infra-red cameras [J]. *ZooKeys*, 2020, 992: 139-155.
- [51] 松崎哲也. 棕背䟽的实验室繁殖[J]. 上海实验动物科学, 1993(2): 68.
- [52] 马芹,王元智,陆涛峰,等. 棕背䟽性别的快速鉴定[J]. 中国比较医学杂志, 2018, 28(1): 96-99.
- [53] 耿雨露. 棕背(䟽)封闭种群群培育及生物学特性数据库建立[D]. 长春: 吉林大学, 2024.
- [54] ZHANG Q, JIN Z, HU J, et al. Assessment of genetic diversity in Korean field mouse (*Apodemus peninsulae*): a study based on microsatellite molecular markers [J]. *Mol Biol Rep*, 2025, 52: 234-253.
- [55] 张曦文,张晴,何佳蕾,等. 高脂饮食诱导棕背䟽模型的建立及评估[J]. 实验动物科学, 2025, 42(2): 1-8.
- [56] 张晴. 实验用大林姬鼠封闭群的培育及 Vnn1 介导的非酒精性脂肪性肝病调控机制研究[D]. 长春: 吉林大学, 2025.

#### [引用本文]

王清英,周佳正,周星璇,等. 棕背䟽和大林姬鼠的资源开发与利用 [J]. 实验动物科学, 2026, 43(2): 18-23.

Wang Q Y, Zhou J Z, Zhou X X, et al. Resource development and utilization of *Myodes rufocanus* and *Apodemus peninsulae* [J]. *Lab Anim Sci*, 2026, 43(2): 18-23.

DOI: 10.3969/j.issn.1006-6179.2026.02.004.